

El cáncer sigue siendo una crisis sanitaria a nivel mundial, y se requiere más investigación para comprender sus bases moleculares. Incluso dentro de un mismo tipo de cáncer, la variabilidad entre pacientes es un obstáculo para la comprensión de la enfermedad y el desarrollo de terapias. Por tanto, la subtipificación de los distintos tipos de cáncer resulta esencial para abordar su heterogeneidad. Un enfoque prometedor para desentrañar esta heterogeneidad es la subtipificación del cáncer basado en el contexto transcriptómico de los pacientes. Mediante perfiles de expresión génica, los investigadores pueden identificar grupos de pacientes que pueden representar distintos subtipos de cáncer con características biológicas, respuesta a terapias y resultados clínicos únicos. Sin embargo, este enfoque representa un gran reto, ya que requiere un gran tamaño muestral, crucial para la identificación de subtipos significativos. Es aquí donde el metaanálisis de datos transcriptómicos emerge como una potente herramienta estadística. Mediante la recopilación sistemática y el reanálisis de datos de repositorios públicos, los investigadores pueden integrar tamaños muestrales de múltiples estudios, superando las limitaciones de los conjuntos de datos individuales. Este enfoque permite identificar diferencias sutiles pero críticas en los patrones de expresión génica que podrían pasar desapercibidas en cohortes más pequeñas. En esta tesis, exploramos la heterogeneidad del cáncer en dos contextos distintos: el adenocarcinoma de pulmón y el adenocarcinoma ductal pancreático. Hemos utilizado un enfoque in-silico, aprovechando los datos publicados mediante una estrategia de metaanálisis, superando las limitaciones de los estudios individuales e impulsando nuevos descubrimientos. Hemos identificado diferencias transcriptómicas específicas del sexo en el adenocarcinoma de pulmón, en particular en las rutas del sistema inmunitario, la señalización purinérgica y el metabolismo lipídico. También hemos caracterizado el paisaje transcriptómico del adenocarcinoma ductal pancreático y sus vínculos con la supervivencia de los pacientes, revelando dos firmas genéticas pronósticas asociadas con el sistema inmunitario y la matriz extracelular.